

[illegible]

Residue No.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50		
Pepper	M	A	R	V	V	M	S	N	M	M	I	P	I	M	S	S	A	[REDACTED]	P	L	S	T	A	T	P	T	S	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	L	P	V	R	K	I	P	G	S	Y	C	F	P	L	L	G	P	L	W
Guava	M	A	R	V	V	M	S	N	M	M	I	P	I	M	S	S	T	Y	P	P	S	L	S	P	P	S	S	P	R	P	T	T	L	P	V	R	T	I	P	G	S	Y	C	W	P	L	L	G	P	T	S	
Banana	M	A	R	V	V	M	S	N	M	M	I	P	I	M	S	S	A	[REDACTED]	[REDACTED]	S	[REDACTED]	A	T	A	V	A	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	[REDACTED]	I	L	P	T	R	P	I	P	G	S	Y	C	P	L	V	G	P	L	K

Residue No.	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100	
Pepper	D	R	L	D	Y	N	W	F	Q	K	L	P	D	F	F	S	K	R	V	E	K	Y	N	S	I	V	F	R	I	N	V	P	P	C	F	P	F	F	F	L	C	V	N	P	N	V	V	A	V	L	D
Guava	D	R	L	D	Y	F	W	F	Q	G	P	E	T	F	F	R	K	R	I	E	K	Y	K	S	I	V	F	R	A	N	V	P	P	C	F	P	F	F	S	N	V	N	P	N	V	V	V	L	D		
Donna	D	R	L	D	Y	F	T	F	Q	G	P	E	T	F	F	R	S	R	M	A	I	H	K	S	I	V	F	R	I	N	M	P	P	T	F	P	F	F	V	C	V	D	P	R	V	V	T	V	L	D	

Residue No.	101	102	103	104	105	106	107	108	109	110	111	112	113	114	115	116	117	118	119	120	121	122	123	124	125	126	127	128	129	130	131	132	133	134	135	136	137	138	139	140	141	142	143	144	145	146	147	148	149	150
Pepper	V	K	S	F	A	H	L	F	D	M	E	I	V	E	K	A	N	V	L	V	G	D	F	M	P	S	V	V	I	G	D	M	R	V	C	A	Y	L	D	T	S	E	P	K	H	I	Q	I	K	
Guavo	C	E	S	F	A	H	L	F	D	M	E	I	V	E	K	S	N	V	L	V	G	D	F	M	P	S	V	K	Y	T	G	N	I	R	V	C	A	Y	L	D	T	S	E	P	Q	H	A	Q	V	K
Donnono	C	I	S	F	S	A	L	F	D	L	E	V	V	E	K	K	N	I	L	I	G	D	Y	M	P	S	L	S	F	I	C	D	T	R	V	V	V	Y	L	D	P	S	E	P	D	H	A	R	V	K

Residue No.	151	152	153	154	155	156	157	158	159	160	161	162	163	164	165	166	167	168	169	170	171	172	173	174	175	176	177	178	179	180	181	182	183	184	185	186	187	188	189	190	191	192	193	194	195	196	197	198	199	200
upper	N	F	S	L	D	I	L	K	R	S	S	K	I	W	V	P	I	L	V	K	E	L	D	T	L	F	G	T	F	E	S	D	L	S	K	S	K	S	A	S	L	L	P	A	L	Q	K	F	L	F
lower	N	F	A	M	D	I	L	K	R	S	S	K	V	W	E	S	E	V	I	S	N	L	D	T	M	W	D	T	I	E	S	S	L	A	K	D	C	N	A	S	V	I	F	P	L	Q	K	F	L	F
control	S	F	C	L	E	L	L	R	R	G	A	K	I	W	V	S	S	F	L	S	N	L	D	V	M	L	A	T	I	E	Q	C	T	A	K	D	C	S	A	G	L	F	G	P	L	Q	K	C	T	F

Case No.	201	202	203	204	205	206	207	208	209	210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239	240	241	242	243	244	245	246	247	248	249	250
Apple	N	F	F	S	L	T	F	L	C	A	D	P	S	A	S	P	E	I	A	N	S	G	F	A	Y	L	D	A	W	L	A	I	Q	L	A	P	T	V	S	T	C	V	L	Q	P	L	E	F		
Java	N	F	L	S	K	S	I	G	A	D	P	A	A	S	P	Q	V	A	K	S	G	Y	A	M	L	D	R	W	L	A	L	Q	L	L	P	T	I	N	I	G	V	L	Q	P	L	E	F			
Umana	A	F	L	C	K	S	I	G	A	D	P	S	V	S	P	D	V	G	E	N	G	F	V	M	L	D	K	W	L	A	L	Q	L	L	P	T	V	K	V	G	A	I	P	Q	P	L	E	F		

751	252	253	254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264	265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275	276	277	278	279	280	281	282	283	284	285	286	287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297	298	299	300
V	H	S	F	S	Y	P	Y	F	L	V	R	G	C	Y	F	K	L	L	K	F	V	K	S	E	A	K	E	V	L	I	R	A	Q	I	D	F	Q	L	I	E	Q	E	A	I	H	N	L	L	F
L	H	S	F	A	Y	P	F	A	L	V	S	C	D	Y	N	K	L	Y	Q	F	I	E	K	E	G	R	E	A	V	E	R	A	K	A	E	F	G	L	I	H	Q	E	A	I	H	N	L	L	F
L	H	S	F	P	L	P	F	F	L	V	S	R	D	Y	R	K	L	Y	E	F	V	E	K	Q	G	Q	E	V	V	R	R	A	E	I	E	H	G	L	S	K	H	D	A	I	N	N	L	L	F

FIG. 1A

2/4

SEQUENCE "TSGE2400T"

Residue No.	301	302	303	304	305	306	307	308	309	310	311	312	313	314	315	316	317	318	319	320	321	322	323	324	325	326	327	328	329	330	331	332	333	334	335	336	337	338	339	340	341	342	343	344	345							
Pepper	T	L	G	F	N	A	F	C	G	F	T	I	F	L	P	T	L	L	G	N	T	L	G	T	G	T	K	N	A	E	M	Q	E	K	L	R	K	E	V	R	E	K	V	G	T	N	Q	E	N	T	S	
Guava	L	L	G	F	N	A	F	C	G	F	S	I	F	L	P	T	L	L	S	N	T	L	S	D	T	G	T	K	N	A	E	M	Q	E	K	L	R	K	E	V	R	A	K	G	C	P	A	E	K	R	P	S
Banana	V	L	G	F	N	A	F	C	G	F	S	V	F	F	P	T	L	L	T	L	G	R	D	K	T	G	L	R	E	K	L	K	D	E	V	R	V	M	K	S	R	G	E	K	R	P	S					

Residue No.	346	347	348	349	350	351	352	353	354	355	356	357	358	359	360	361	362	363	364	365	366	367	368	369	370	371	372	373	374	375	376	377	378	379	380	381	382	383	384	385	386	387	388	389	390	391	392	393	394	395
Pepper	F	E	S	V	K	E	M	E	L	V	Q	S	F	V	Y	E	S	L	R	L	S	P	P	V	P	S	Q	Y	A	R	A	R	K	D	F	M	L	S	S	H	D	S	V	Y	E	T	K	K	G	E
Guava	F	A	S	V	K	E	M	E	L	V	K	S	V	V	Y	E	T	L	R	L	N	P	P	V	P	F	Q	Y	A	R	A	R	K	D	F	Q	L	K	S	H	D	S	V	F	D	V	K	K	G	E
Banana	F	E	T	V	R	E	M	E	L	V	R	S	T	V	Y	E	V	L	R	L	N	P	P	V	P	L	Q	Y	C	R	A	R	T	D	F	T	L	N	S	H	D	A	F	K	V	F	K	G	E	

Residue No.	396	397	398	399	400	401	402	403	404	405	406	407	408	409	410	411	412	413	414	415	416	417	418	419	420	421	422	423	424	425	426	427	428	429	430	431	432	433	434	435	436	437	438	439	440	441	442	443		
Pepper	L	L	C	G	Y	Q	P	L	V	M	K	D	P	K	V	F	D	E	P	E	K	F	M	L	E	R	F	I	K	E	K	G	K	E	L	L	N	Y	L	F	W	S	N	G	P	Q	T	G	S	P
Guava	L	L	C	G	Y	Q	K	V	M	T	D	P	K	V	F	D	E	P	E	S	I	N	S	D	R	F	V	Q	N	S	E	E	L	L	D	Y	L	Y	W	S	N	G	P	Q	T	G	T	P		
Banana	L	L	C	G	Y	Q	P	L	V	M	R	D	P	A	V	F	D	P	E	I	F	A	P	E	R	F	F	M	G	S	C	K	E	L	L	K	Y	V	W	S	N	G	P	E	T	G	T	P		

Residue No.	444	445	446	447	448	449	450	451	452	453	454	455	456	457	458	459	460	461	462	463	464	465	466	467	468	469	470	471	472	473	474	475	476	477	478	479	480	481	482	483	484	485	486	487	488								
Pepper	T	E	S	N	K	Q	C	A	A	K	D	A	V	T	L	T	A	S	T	I	V	A	Y	I	F	Q	K	Y	D	S	V	S	F	S	S	G	S	L	T	S	V	K	K	A	C	S	T	O	P				
Guava	T	E	S	N	K	Q	C	A	A	K	D	Y	V	T	L	T	A	C	L	F	V	A	Y	M	F	R	R	Y	N	S	V	T	G	S	S	S	T	I	A	V	E	K	A	N	S	T	O	P					
Banana	T	P	A	N	K	Q	C	A	A	K	D	Y	V	V	T	E	T	A	C	L	M	A	E	T	F	Y	R	Y	D	E	F	V	C	A	D	A	L	S	V	T	K	L	D	R	A	R	E	W	E	S	T	O	P

FIG.1B

1997-1998		1998-1999		1999-2000		2000-2001		2001-2002		2002-2003		2003-2004		2004-2005		2005-2006		2006-2007		2007-2008		2008-2009		2009-2010		2010-2011		2011-2012		2012-2013		2013-2014		2014-2015		2015-2016		2016-2017		2017-2018		2018-2019		2019-2020		2020-2021		2021-2022		2022-2023		2023-2024		2024-2025		2025-2026		2026-2027		2027-2028		2028-2029		2029-2030		2030-2031		2031-2032		2032-2033		2033-2034		2034-2035		2035-2036		2036-2037		2037-2038		2038-2039		2039-2040		2040-2041		2041-2042		2042-2043		2043-2044		2044-2045		2045-2046		2046-2047		2047-2048		2048-2049		2049-2050		2050-2051		2051-2052		2052-2053		2053-2054		2054-2055		2055-2056		2056-2057		2057-2058		2058-2059		2059-2060		2060-2061		2061-2062		2062-2063		2063-2064		2064-2065		2065-2066		2066-2067		2067-2068		2068-2069		2069-2070		2070-2071		2071-2072		2072-2073		2073-2074		2074-2075		2075-2076		2076-2077		2077-2078		2078-2079		2079-2080		2080-2081		2081-2082		2082-2083		2083-2084		2084-2085		2085-2086		2086-2087		2087-2088		2088-2089		2089-2090		2090-2091		2091-2092		2092-2093		2093-2094		2094-2095		2095-2096		2096-2097		2097-2098		2098-2099		2099-2100		2100-2101		2101-2102		2102-2103		2103-2104		2104-2105		2105-2106		2106-2107		2107-2108		2108-2109		2109-2110		2110-2111		2111-2112		2112-2113		2113-2114		2114-2115		2115-2116		2116-2117		2117-2118		2118-2119		2119-2120		2120-2121		2121-2122		2122-2123		2123-2124		2124-2125		2125-2126		2126-2127		2127-2128		2128-2129		2129-2130		2130-2131		2131-2132		2132-2133		2133-2134		2134-2135		2135-2136		2136-2137		2137-2138		2138-2139		2139-2140		2140-2141		2141-2142		2142-2143		2143-2144		2144-2145		2145-2146		2146-2147		2147-2148		2148-2149		2149-2150		2150-2151		2151-2152		2152-2153		2153-2154		2154-2155		2155-2156		2156-2157		2157-2158		2158-2159		2159-2160		2160-2161		2161-2162		2162-2163		2163-2164		2164-2165		2165-2166		2166-2167		2167-2168		2168-2169		2169-2170		2170-2171		2171-2172		2172-2173		2173-2174		2174-2175		2175-2176		2176-2177		2177-2178		2178-2179		2179-2180		2180-2181		2181-2182		2182-2183		2183-2184		2184-2185		2185-2186		2186-2187		2187-2188		2188-2189		2189-2190		2190-2191		2191-2192		2192-2193		2193-2194		2194-2195		2195-2196		2196-2197		2197-2198		2198-2199		2199-2200		2200-2201		2201-2202		2202-2203		2203-2204		2204-2205		2205-2206		2206-2207		2207-2208		2208-2209		2209-2210		2210-2211		2211-2212		2212-2213		2213-2214		2214-2215		2215-2216		2216-2217		2217-2218		2218-2219		2219-2220		2220-2221		2221-2222		2222-2223		2223-2224	
-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--	-----------	--

Residue No.	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50
Nucleotide	ATG	GCG	AGC	GTC	GTC	ATC	AGC	AAC	AIG	TGC	GCC	AIG	TGC	TCC	AGC	TAC	CCC	CCG	CCG	TCI	CIG	TCC	CCG	CCG	TCC	TCC	CCG	CCG	ACC	ACC	CCG	GTC	CCG	AGC	AIC	CCG	CCG	ACC	TAC	CCG	TCC	CCG	CIC	CIC	CCG	CCG	ATA	TGC		
Amino acid	<u>Met</u>	<u>Ala</u>	<u>Arg</u>	<u>Val</u>	<u>Val</u>	<u>Met</u>	<u>Ser</u>	<u>Asn</u>	<u>Ser</u>	<u>Pro</u>	<u>Ala</u>	<u>Met</u>	<u>Ser</u>	<u>Ser</u>	<u>Ile</u>	<u>Pro</u>	<u>Leu</u>	<u>Pro</u>	<u>Ser</u>	<u>Ser</u>	<u>Leu</u>	<u>Ser</u>	<u>Pro</u>	<u>Pro</u>	<u>Ser</u>	<u>Ser</u>	<u>Pro</u>	<u>Thr</u>	<u>Pro</u>	<u>Thr</u>	<u>Leu</u>	<u>Val</u>	<u>Thr</u>	<u>Ala</u>	<u>Arg</u>	<u>Ala</u>	<u>Arg</u>	<u>Thr</u>	<u>Leu</u>	<u>Leu</u>	<u>Pro</u>	<u>Leu</u>	<u>Leu</u>	<u>Pro</u>	<u>Leu</u>	<u>Pro</u>	<u>Ile</u>	<u>Ser</u>		

[illegible]

Residue No.	Nucleotide	codon	Amino acid
101	TGC	GAG	Arg
102	CAC	TTC	Phe
103	GAG	ATC	Ile
104	GAG	ATC	Ile
105	GAG	ATC	Ile
106	GAG	ATC	Ile
107	GAG	ATC	Ile
108	GAG	ATC	Ile
109	GAG	ATC	Ile
110	GAG	ATC	Ile
111	GAG	ATC	Ile
112	GAG	ATC	Ile
113	GAG	ATC	Ile
114	GAG	ATC	Ile
115	GAG	ATC	Ile
116	GAG	ATC	Ile
117	GAG	ATC	Ile
118	GAG	ATC	Ile
119	GAG	ATC	Ile
120	GAG	ATC	Ile
121	GAG	ATC	Ile
122	GAG	ATC	Ile
123	GAG	ATC	Ile
124	GAG	ATC	Ile
125	GAG	ATC	Ile
126	GAG	ATC	Ile
127	GAG	ATC	Ile
128	GAG	ATC	Ile
129	GAG	ATC	Ile
130	GAG	ATC	Ile
131	GAG	ATC	Ile
132	GAG	ATC	Ile
133	GAG	ATC	Ile
134	GAG	ATC	Ile
135	GAG	ATC	Ile
136	GAG	ATC	Ile
137	GAG	ATC	Ile
138	GAG	ATC	Ile
139	GAG	ATC	Ile
140	GAG	ATC	Ile
141	GAG	ATC	Ile
142	GAG	ATC	Ile
143	GAG	ATC	Ile
144	GAG	ATC	Ile
145	GAG	ATC	Ile
146	GAG	ATC	Ile
147	GAG	ATC	Ile
148	GAG	ATC	Ile
149	GAG	ATC	Ile
150	GAG	ATC	Ile

[illegible]

Residue No.	201	202	203	204	205	206	207	208	209	210	211	212	213	214	215	216	217	218	219	220	221	222	223	224	225	226	227	228	229	230	231	232	233	234	235	236	237	238	239	240	241	242	243	244	245	246	247	248	249	250
Nucleotide codon	AAC	TTC	CTC	TTC	AGC	TGC	ATC	ATC	GGC	GCT	GAC	GCC	GCC	GCC	TGG	CCG	GAC	GTC	GCC	AGC	TCC	GCC	TAC	GCC	ATG	CTT	GAC	CCG	TGG	CTC	GCT	CTC	GAC	CTC	CTC	GAC	CTC	ACC	AAC	ATC	GAC	CTA	GTC	GAC	ATT	TTT				
Amino acid	N	F	L	S	K	S	I	I	G	A	D	P	A	A	S	P	Q	V	A	K	S	G	Y	A	M	L	D	R	W	L	A	L	Q	L	L	P	T	I	N	I	G	V	L	P	L	V	E	I		

Residue No.	251	252	253	254	255	256	257	258	259	260	261	262	263	264	265	266	267	268	269	270	271	272	273	274	275	276	277	278	279	280	281	282	283	284	285	286	287	288	289	290	291	292	293	294	295	296	297	298	299	300
Nucleotide codon	CTG	CAT	TCT	TGG	GCA	TAC	CGT	TTT	GGC	CTG	CTG	ACC	GCG	GAC	TAC	ATC	ATC	CAG	TTC	CAG	TTC	ATC	GAG	ATC	GAG	GGA	GGC	CGA	GAG	GGT	CTC	GAA	AGG	GCT	ATC	GAG	TTC	CGA	TTC	ACA	CAC	CAC	GAG	GCG	ATC	CAC	ATC	CTC	TTC	
Amino acid	L	H	S	W	A	Y	P	F	A	L	V	S	G	D	Y	N	K	L	Y	Q	F	I	E	K	E	G	R	E	A	V	E	R	A	K	A	E	F	G	L	T	H	Q	E	A	I	H	N	L	L	F

FIG. 2A

4/4

Heme Binding Site

Residue No. 301 302 303 304 305 306 307 308 309 310 311 312 313 314 315 316 317 318 319 320 321 322 323 324 325 326 327 328 329 330 331 332 333 334 335 336 337 338 339 340 341 342 343 344 345 346 347 348 349 350
Nucleotide codon ATC CTC GGC TTC AAC GCG TTC GGC GGC TTC ATC TTC CTC GCG ACC TTC CTC GAC GAC GCA CTA ACC GCA CCG GCG TTC ACC TTC GCG TTC GCG AAC
Amino acid I L G F N A F G G F S I F L P I L L S N I L S D T T G L Q D R L R K E V R A K G G P A L S F A S V K

Residue No. 351 352 353 354 355 356 357 358 359 360 361 362 363 364 365 366 367 368 369 370 371 372 373 374 375 376 377 378 379 380 381 382 383 384 385 386 387 388 389 390 391 392 393 394 395 396 397 398 399 400
Nucleotide codon GAG ATG GAA CTC CTC AAC TCG CTC GCG TAC GAG AGC CTC GCG CTC GCG TTC CAA TAC CCA CCG GCG AAC GAC TTC CAG CTC AAC TCG CAG GAC TCT CTC TTT CAT GTC AAC AAA GCG GAG CTC CTA TCG GCG TAT
Amino acid E M E L V K S V V Y E T L R L N P P V P F Q Y A R A R K D F Q L K S H D S V F D V K K G C E L L C G Y

Residue No. 401 402 403 404 405 406 407 408 409 410 411 412 413 414 415 416 417 418 419 420 421 422 423 424 425 426 427 428 429 430 431 432 433 434 435 436 437 438 439 440 441 442 443 444 445 446 447 448 449 450
Nucleotide codon CAG AAC GCG GCG ATG ACA GAC CCG AAA CTC TTC GAC GAA CCG GAG AGC TTC AAC TCG GCG TTC CTC CAA AAC AGC GAG CTA CTC CAT TAC CTC TAC TCG AAC GCG CCG CAG ACC GCA ACC CCG ACC GAG TCG AAC GAG TCG
Amino acid Q K V V M T D P K V F D E P E S F N S D R F V Q N S E L L D Y L Y W S N G P Q T G T P T E S N K Q C

Residue No. 451 452 453 454 455 456 457 458 459 460 461 462 463 464 465 466 467 468 469 470 471 472 473 474 475 476 477 478 479 480 481 482 483 484 485 486 487 488
Nucleotide codon CCG GGT AAG GAG TAC GTC ACC CTC ACC CCT TCT CTC TTC GTT GCG TAC ATG TTT CCA CCG TAC AAT TCC CTC ACA GCA ACC TCG AGC TCG ATC ACA CCG GTT GAA AAG GCG AAC
Amino acid A A K D Y V T L T A C L F V A Y M F R R Y N S V T C S S S I T A V E K A N

SEQ ID NO:27
SEQ ID NO:6

FIG.2B